



TITLE:

海洋の真核プランクトンと巨大ウイルスの生物地理に関する研究

AUTHOR(S):

遠藤, 寿

CITATION:

遠藤, 寿. 海洋の真核プランクトンと巨大ウイルスの生物地理に関する研究. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2019, 2018: 26-27

ISSUE DATE:

2019-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/241154>

RIGHT:

海洋の真核プランクトンと巨大ウイルスの生物地理に関する研究
Biogeography of eukaryotic plankton and giant viruses across the global ocean

京都大学 化学研究所附属バイオインフォマティクスセンター 化学生命科学研究領域
遠藤 寿

研究成果概要

本研究では、日本沿岸域および全球海洋調査で得られたゲノムデータから、巨大核細胞質 DNA ウイルス(NCLDV)の全球的な分布と多様性を解明するため、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用し解析を行った。

近年の研究により、NCLDV が海洋に普遍的かつ豊富に存在することが明らかになったが、その多様性については正確な定量がなされてこなかった。本研究では、新たに設計した 82 のプライマーセットを用いることで、NCLDV の中でも海洋で特に優占するメガウイルス科の定量を試みた。その結果、沿岸海水数リットル中に 5,000 を超えるメガウイルス科の OTU が存在することが示された[1]。

大規模な海洋調査 *Tara Oceans Expedition* で得られたメタゲノムデータを解析することで、NCLDV の海洋生物地理区分の推定を行った。結果、NCLDV の群集構造は熱帯から亜寒帯にかけてほぼ一様なのに対し、極域(特に北極域)において他海域と著しく異なることが示された。また、その群集変化は種単位で生じており、北極域群集の 17%以上が同海域の固有種で構成されることが示唆された。今後、NCLDV 群集の変遷を環境勾配と宿主群集変化の両面から精査し、亜極域に生物地理学的フロントが形成された要因を特定する。

さらに、渦鞭毛藻類 *Heterocapsa circularisquama* に感染する二本鎖 DNA ウイルス(HcDNAV)の全ゲノム配列を決定するため、スーパーコンピュータシステムを用いてゲノムシーケンスデータのアセンブリと遺伝子予測、およびホモロジー検索を行った。

発表論文(謝辞あり)

- [1]. Li, Y., Hingamp, P., Watai, H., Endo, H., Yoshida, T., & Ogata, H. (2018). Degenerate PCR Primers to Reveal the Diversity of Giant Viruses in Coastal Waters. *Viruses*, 10(9), 496.

発表論文(謝辞なし)

- [2]. Yoshida, K., Endo, H., Lawrenz, E., Isada, T., Hooker, S. B., Prášil, O., & Suzuki, K. (2018). Community composition and photophysiology of phytoplankton assemblages in coastal Oyashio waters of the western North Pacific during early spring. *Estuar, Coast. Shelf Sci.* 212, 80–94.

- [3]. Endo, H., Ogata, H., & Suzuki, K. (2018). Contrasting biogeography and diversity patterns between diatoms and haptophytes in the central Pacific Ocean. *Sci. Rep.*, 8(1), 10916.
- [4]. Xia, X., Cheung, S., Endo, H., Suzuki, K., & Liu, H. (2019). Latitudinal and Vertical Variation of *Synechococcus* Assemblage Composition Along 170° W Transect From the South Pacific to the Arctic Ocean. *Microb. Ecol*, 1–10.